

# Aplikasi Metode UPGMA untuk Identifikasi Kekerbatan Jenis Virus dan Penyebaran Epidemi Ebola Melalui Pembentukan Pohon Filogenetik

Nama : Tri Andriani  
NRP : 1213201045  
Dosen Pembimbing : Prof. Dr. M. Isa Irawan, MT.

## ABSTRAK

Penyakit ebola atau dalam bahasa medis *Ebola Virus Disease* (EVD) adalah penyakit yang disebabkan oleh sejenis virus dari genus *Ebolavirus* (EBOV), famili *Filoviridae*. Virus ebola diklasifikasikan ke dalam 5 jenis, yaitu *Zaire ebolavirus* (ZEBOV), *Sudan ebolavirus* (SEBOV), *Bundibugyo ebolavirus* (BEBOV), *Tai Forest ebolavirus* yang juga dikenal sebagai *Cote d'Ivoire ebolavirus* (CIEBOV), dan *Reston ebolavirus* (REBOV). Identifikasi kekerabatan jenis virus ebola dan penyebarannya dapat dilakukan dengan menggunakan pohon filogenetik. Pada penelitian ini, pohon filogenetik dibangun dengan Metode UPGMA yang didalamnya terdapat *Multiple Alignment*. *Multiple Alignment* menggunakan Metode *Progressive* yang didalamnya terdapat pensejajaran berpasangan menggunakan Algoritma Needleman Wunsch. Hasil pembentukan pohon fillogenetik disimpulkan bahwa hubungan kekerabatan jenis virus ebola tidak dapat disimpulkan secara umum, sebab tergantung pada type protein yang dibandingkan.. Misal pada type minor nucleoprotein jenis *Zaire ebolavirus* dekat dengan *Sudan ebolavirus*. Pada type membrane associated protein VP 24 jenis *Zaire ebolavirus* dekat dengan *Bundibugyo ebolavirus*. Berdasarkan pohon filogenetik data DNA, jenis *Tai Forest ebolavirus* dekat dengan *Bundibugyo ebolavirus* tetapi letak negara penyebaran epidemi ebola berjauhan. Jarak genetik untuk jenis *Bundibugyo ebolavirus* dengan *Tai Forest ebolavirus* adalah 0.3725. Jenis *Tai Forest ebolavirus* mirip dengan *Bundibugyo ebolavirus* tidak dipengaruhi oleh kedekatan daerah penyebaran epidemi ebola.

**Kata kunci:** metode upgma, *multiple alignment*, pohon filogenetik, virus ebola.



# **Application of UPGMA Method for the Kinship Identification Type Virus Types and Ebola Epidemic Spreading Through Establishment of Phylogenetic Trees**

Name : Tri Andriani  
NRP : 1213201045  
Supervisor : Prof. Dr. M. Isa Irawan, MT.

## **ABSTRACT**

Ebola disease or in medical language Ebola Virus Disease (EVD) is a disease caused by a virus of the genus Ebolavirus (EBOV), family Filoviridae. Ebola virus is classified into five types, namely Zaire ebolavirus (ZEBOV) Sudan ebolavirus (SEBOV), Bundibugyo ebolavirus (BEBOV), Tai Forest ebolavirus also known as Cote d'Ivoire ebolavirus (CIEBOV), and Reston ebolavirus (REBOV). Identification of kinship types of Ebola virus and its spread can be performed using phylogenetic tree. In this study, the phylogenetic tree constructed by UPGMA method in which there are Multiple Alignment. Progressive Multiple Alignment using a method in which there are pairwise alignments using the Needleman Wunsch algorithm. Results fillogenetik tree formation was concluded that kinship types of Ebola virus can not be inferred in general, because depending on the type of protein compared .. Eg the minor type nucleoprotein Zaire ebolavirus species close to Sudan ebolavirus. On the type of membrane associated protein VP 24 types Zaire ebolavirus close to Bundibugyo ebolavirus. Based on phylogenetic trees DNA data, the type of Tai Forest ebolavirus close to Bundibugyo ebolavirus but the layout state ebola epidemic spread far apart. Genetic distance for this type of Bundibugyo ebolavirus with Tai Forest ebolavirus is 0.3725. Tai Forest ebolavirus type similar to Bundibugyo ebolavirus not influenced by the proximity of ebola epidemic spreading area.

**Keywords:** upgma method, multiple alignment, phylogenetic tree, ebola virus.